

山东省小麦新品系高分子量 麦谷蛋白亚基组成分析

郭军¹ 毛瑞喜² 李成磊² 刘悦^{1,3} 李金生^{1,4} 王燕¹
刘爱峰¹ 刘建军¹ 李豪圣¹ 宋健民¹

(¹ 山东省农业科学院作物研究所,小麦玉米国家工程研究中心 & 农业农村部黄淮北部小麦生物学与遗传育种重点实验室 & 山东省小麦技术创新中心,济南 250100; ² 山东省种子管理总站,济南 250100; ³ 鲁东大学农学院,山东烟台 264025; ⁴ 青岛农业大学,山东青岛 266109)

摘要:山东省是我国小麦优势产区,在保障国家粮食安全方面发挥了重要作用。关于山东省近年来新育成小麦新品系的高分子量麦谷蛋白亚基组成分析研究未见报道。本研究以 2017–2020 年山东省区域试验高产组和强筋组 429 份参试小麦新品系为试验材料,分析高分子量麦谷蛋白亚基的分布情况。结果表明,山东省区域试验高产组材料的 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点分别以 N、7+8 和 4+12 (频率为 33.2% 和 26.1%) 亚基类型为主;强筋组材料分别以 1、7+8 和 5+10 (频率为 21.9% 和 23.7%) 亚基类型为主。*Glu-1* 总评分显示,高产组小麦材料品质平均得分为 6.85 分,强筋组小麦材料品质平均得分为 8.63 分。本研究首次明晰了 2017–2020 年山东省区域试验高产组和强筋组参试小麦新品系的高分子量麦谷蛋白亚基组成及主要类型,对于山东省小麦品质改良具有重要指导意义。

关键词:小麦;高分子量麦谷蛋白;亚基组成;山东省

小麦是我国最重要的口粮作物之一,是人类获取植物蛋白质的重要来源之一。随着人民生活水平的提高,对小麦的品质有了更高的要求。小麦面粉能够制作成面包、面条、馒头、糕点等多种食品,满足不同地区不同民族的消费需求,这主要是由其储藏蛋白决定的,其中高分子量麦谷蛋白亚基(HMW-GS, High molecular weight glutenin subunit)在小麦加工品质中起重要作用。因此,育种中通过对小麦高分子量麦谷蛋白亚基组成进行优化,培育出优质小麦新品种,是小麦品质育种的重要内容之一。

研究表明,控制高分子麦谷蛋白亚基的基因位于小麦 1AL (*Glu-A1*)、1BL (*Glu-B1*) 和 1DL (*Glu-D1*) 染色体,分别有 3、12 和 7 种等位基因类型。目前已经从小麦中发现了至少 24 个高分子麦谷蛋白亚基^[1-2]。一般来讲,除 1A 染色体只编码 1 个 x 亚基

(y 亚基沉默)外,B 和 D 染色体各编码 1 对 HMW-GS (x 和 y 亚基),即 HMW-GS 是成对存在的,如 7+8、5+10 等。前人的研究表明^[3-5],1A 染色体有 3 种亚基类型(N、1 和 2*),其中 1 和 2* 亚基对小麦面包、面条加工品质具有正向效应;B 染色体至少可编码 13 种亚基类型(6+8、7+8、7^{OE}+8、7、7^{OE}、7+9、13+16、13+19、14+15、17+18、20+20、21 和 22),其中 7+8、7^{OE}+8、13+16、14+15 和 17+18 亚基对小麦面包加工品质具有正向效应;1D 染色体至少可编码 7 种亚基类型(2+12、2.2+12、4+12、3+12、2+11、5+10、5+12),2.2+12 和 5+10 亚基对小麦面包、面条、馒头加工品质具有正向效应。从以上的分析可以看出,小麦 1B 染色体编码的 HMW-GS 类型最多,而 1A 染色体编码的 HMW-GS 类型较为匮乏(只有 3 种)。十二烷基硫酸钠聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE)方法不仅简便经济而且高效快捷,目前已被广泛用于麦谷蛋白亚基电泳分析^[5-6]。

山东省是我国小麦优势产区,在保障国家粮食安全方面发挥了重要作用。尽管前人对山东省小

基金项目:山东省重大科技创新工程(2021LZGC009);山东省农业良种工程(2019LZGC001);山东省农业科学院创新工程(CXGC2018E01)

通信作者:李豪圣,宋健民

麦品系(种)高分子量麦谷蛋白亚基进行过研究,但是有关近年来新育成的小麦新品系高分子量麦谷蛋白亚基组成分析的研究未见报道。本研究以 2017–2020 年 4 年度山东省区域试验高产组和强筋组参试小麦新品系为试验材料进行研究,分析高分子量麦谷蛋白亚基的分布情况,以期为山东省小麦品质改良提供参考信息。

1 材料与方法

1.1 试验材料 供试材料为 2017–2020 年山东省区域试验高产组和强筋组参试小麦新品系,剔除高分子量麦谷蛋白亚基杂合材料和区试对照材料后共计 429 个。其中 4 个年度高产组小麦材料分别有 81、80、103、95 个,共计 359 份;强筋组小麦材料分别为 19、14、13、24 个,共计 70 份,均保存于本实验室。为避免材料重复导致统计分析失去代表性,以 2017 年和 2019 年材料为 1 组,2018 年和 2020 年为 1 组,研究山东省小麦新品系的 HMW-GS 类型及频率,因为 2017 年区域试验参试材料在 2019 年进入生产试验或者已淘汰,同理 2018 年和 2020 年区域试验材料也不重合。

1.2 高分子量麦谷蛋白亚基 SDS-PAGE 电泳 小麦高分子量麦谷蛋白亚基分析参考王伟等^[7]的方法,具体为(1)蛋白质提取:每个材料取 3 粒种子,敲碎后混匀,50% 异丙醇缓冲液提取种子谷蛋白;(2)蛋白质电泳:分离胶浓度为 12%,浓缩胶浓度为 3.7%。电流大小为 20mA/板,电泳时间为 18h;(3)凝胶染色、脱色和成像:0.1% 考马斯亮蓝染色 6~10h,蒸馏水脱色 24~72h,凝胶成像仪成像。利用已知高分子量麦谷蛋白亚基带型的小麦材料中国春

(N,7+8,2+12)、济麦 22(N,7+8,4+12)和济南 17(1,7+8,4+12)作为对照。亚基判读按 Payne 等^[6]的方法,品质得分按 Payne 等^[4]和黄兴峰等^[8]的方法计算(表 1)。

表 1 高分子量麦谷蛋白亚基品质得分

品质得分	<i>Glu-A1</i> 位点	<i>Glu-B1</i> 位点	<i>Glu-D1</i> 位点
4	–	–	5+10
3	1、2*	7+8、17+18、14+15、13+16	–
2	–	7+9	2+12、3+12
1	N	7、6+8、20	4+12

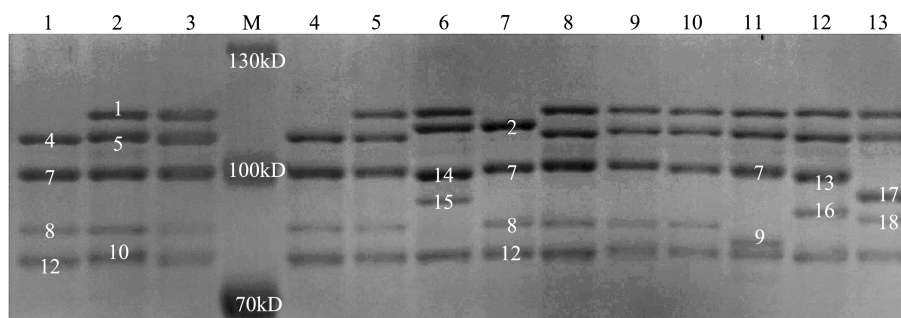
– 代表在该位点没有相关等位基因类型

1.3 数据分析 利用 Microsoft Excel 2003 计算亚基分布频率和表格绘制。

2 结果与分析

2.1 高分子量麦谷蛋白亚基的等位变异及其频率

供试材料共计 429 份,包括山东省区域试验高产组材料 359 份和山东省区域试验强筋组材料 70 份。对各品系进行蛋白质提取、电泳检测和亚基判读分析(图 1、表 1)。在 359 份高产组供试材料(2017 年+2019 年合计 184 份,2018 年+2020 年合计 175 份)的 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点上共鉴定出 11 种亚基类型(表 2),分别为 1、N、7+8、7+9、6+8、13+16、14+15、17+18、2+12、4+12、5+10,其分布频率分别为 44.6% 和 43.4%、55.4% 和 56.6%,69.6% 和 68.0%、7.1% 和 11.4%、1.6% 和 0、1.1% 和 2.3%、0.5% 和 0、20.1% 和 18.3%、9.8% 和 13.7%、56.5% 和 56.0%、33.7% 和 30.3%,这表明



M: 蛋白质预染 marker, 1: 对照品种济麦 22, 2: GQ1781, 3: GQ1782, 4: GQ783, 5: QQ1701, 6: QQ1702, 7: 对照品种中国春, 8: 对照品种济南 17, 9: QQ1703, 10: QQ1704, 11: QQ1705, 12: QQ1706, 13: QQ1707. GQ: 山东省区域试验高产组, QQ: 山东省区域试验强筋组

图 1 小麦品系高分子量麦谷蛋白电泳图

表2 不同年度、不同组别高分子量麦谷蛋白亚基的等位变异及其频率

参试 组别	基因 位点	Glu-1 得分	等位 基因	亚基	2017年		2019年		2017年+2019年		2018年		2020年		2018年+2020年	
					品系 数	频率 (%)	品系 数	频率 (%)	品系 数	频率 (%)	品系 数	频率 (%)	品系 数	频率 (%)	品系 数	频率 (%)
高 产 组	Glu-A1	1.88	a	1	34	42.0	48	46.6	82	44.6	37	46.3	39	41.1	76	43.4
			c	N	47	58.0	55	53.4	102	55.4	43	53.8	56	58.9	99	56.6
	Glu-B1	2.89	b	7+8	58	71.6	70	68.0	128	69.6	51	63.8	68	71.6	119	68.0
			c	7+9	6	7.4	7	6.8	13	7.1	12	15.0	8	8.4	20	11.4
			d	6+8	3	3.7	0	0	3	1.6	0	0	0	0	0	0
			f	13+16	0	0	2	1.9	2	1.1	1	1.3	3	3.2	4	2.3
			h	14+15	1	1.2	0	0	1	0.5	0	0	0	0	0	0
			i	17+18	13	16.0	24	23.3	37	20.1	16	20.0	16	16.8	32	18.3
	Glu-D1	2.08	a	2+12	9	11.1	9	8.7	18	9.8	13	16.3	11	11.6	24	13.7
			c	4+12	48	59.3	56	54.4	104	56.5	43	53.8	55	57.9	98	56.0
			d	5+10	24	29.6	38	36.9	62	33.7	24	30.0	29	30.5	53	30.3
强 筋 组	Glu-A1	2.83	a	1	17	89.5	10	76.9	27	84.4	14	100	22	91.7	36	94.7
			b	2*	0	0	1	7.7	1	3.1	0	0	0	0	0	0
			c	N	2	10.5	2	15.4	4	12.5	0	0	2	8.3	2	5.3
	Glu-B1	2.70	b	7+8	9	47.4	7	53.8	16	50.0	5	35.7	9	37.5	14	36.8
			c	7+9	3	15.8	5	38.5	8	25.0	3	21.4	10	41.7	13	34.2
			f	13+16	1	5.3	0	0	1	3.1	2	14.3	0	0	2	5.3
			i	17+18	6	31.6	1	7.7	7	21.9	4	28.6	5	20.8	9	23.7
	Glu-D1	3.10	a	2+12	1	5.3	1	7.7	2	6.3	0	0	1	4.2	1	2.6
			c	4+12	7	36.8	3	23.1	10	31.3	6	42.9	3	12.5	9	23.7
			d	5+10	11	57.9	9	69.2	20	62.5	8	57.1	20	83.3	28	73.7

高产组材料的 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点分别以 N、7+8 和 4+12 亚基类型为主。

在 70 份强筋组供试材料(2017 年+2019 年合计 32 份,2018 年+2020 年合计 38 份)的 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点上共鉴定出 10 种亚基类型(表 2), 分别为 1、2*、N、7+8、7+9、13+16、17+18、2+12、4+12、5+10, 其分布频率分别为 84.4% 和 94.7%、3.1% 和 0、12.5% 和 5.3%、50.0% 和 36.8%、25.0% 和 34.2%、3.1% 和 5.3%、21.9% 和 23.7%、6.3% 和 2.6%、31.3% 和 23.7%、62.5% 和 73.7%, 这表明山东省区域试验强筋组材料的 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点分别以 1、7+8 和 5+10 亚基类型分布为主。

2.2 高分子量麦谷蛋白亚基组成及其变异频率

分析山东省区域试验高产组 359 份材料高分子量麦谷蛋白亚基组成及其变异频率(表 3), 发现共有 25

种亚基组成类型,2017 年+2019 年、2018 年+2020 年出现频率均较高的亚基组合类型为: N、7+8、4+12 和 1、7+8、4+12, 其频率分别为 33.2% 和 26.1%、14.7% 和 14.1%。

分析山东省区域试验强筋组 70 份材料高分子量麦谷蛋白亚基组成及其变异频率(表 4), 发现共有 13 种亚基组成类型,2017 年+2019 年、2018 年+2020 年出现频率均较高的亚基组合类型为: 1、7+8、5+10、1、17+18、5+10、1、7+9、5+10、1、7+8、4+12、1、7+9、4+12, 其频率分别为 21.9% 和 23.7%、12.5% 和 23.7%、15.6% 和 18.4%、15.6% 和 7.9%、6.3% 和 13.2%, 其中出现频率最高的类型为 1、7+8、5+10。

2.3 供试材料高分子量麦谷蛋白亚基品质评分

如表 2 所示,2017–2020 年山东省区域试验高产组小麦材料 *Glu-1* 得分为: *Glu-B1* 得分最高, 为 2.89

分; *Glu-D1* 得分次之, 为 2.08 分; *Glu-A1* 得分最低, 为 1.88 分。2017–2020 年山东省区域试验强筋组小麦材料 *Glu-1* 得分为: *Glu-D1* 得分最高, 为 3.10 分; *Glu-A1* 得分次之, 为 2.83 分; *Glu-B1* 得分最低, 为 2.70 分。从总的评分(*Glu-1*)来看(表 3、表 4), 高产组小麦材料品质平均得分为 6.85 分, 强筋组小麦材料品质平均得分为 8.63 分。

3 结论与讨论

小麦品质主要是由高分子量麦谷蛋白亚基决定^[1–4]。王银萍等^[9]对黄淮麦区小麦品种高分子量谷蛋白亚基组成及遗传多样性分析研究, 从 *Glu-A1*, *Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点等位基因组来看, 发现陕西小麦以 1、7+8、2+12 为主要类型; 江苏小麦以 1 或 N、7+8、2+12 或 4+12 为主要类型; 河南和安徽小麦以 1、7+9、4+12 为主要类型。聂莉等^[10]对新疆小麦高分子量谷蛋白亚基组成分析研究, 发现新疆小麦 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点分别以 N、7+8 和 2+12 亚基类型为主。然而, 有关山东小麦的高分子量麦谷蛋白亚基组成主要类型未知。本研究首次明晰了 2017–2020 年山东省区域试验高产组和强筋组参试小麦新品系的高分子量麦谷蛋白亚基组成, 结果发现, 山东省区域试验高产组和强筋组小麦材料高分子量麦谷蛋白亚基组成主要类型不同, 其中高产组小麦材料 *Glu-A1* 位点以 N 亚基类型为主, *Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点分别以 7+8 和 4+12 亚基类型为主; 强筋组小麦材料 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 位点分别以 1、7+8 和 5+10 亚基类型为主。李立等^[11]对黄淮麦区小麦新品系高分子量谷蛋白亚基的组成及结构变化分析研究发现, 黄淮麦区小麦出现频率最高的亚基组合类型为 7+9、2+12, 占全部供试材料的 17.2%。本研究发现山东省区域试验高产组材料高分子量麦谷蛋白亚基出现频率最高的类型为 N、7+8、4+12, 占比为 33.2% 和 26.1%; 强筋组材料高分子量麦谷蛋白亚基出现频率最高的类型为 1、7+8、5+10, 占比为 21.9% 和 23.7%。

在不考虑黑麦 1RS 对小麦品质的不良影响情况下, 本研究结果发现, 山东省区域试验高产组小麦品质得分变异范围较大(4~10), 平均分为 6.85 分, 且品质评分大于等于 7 分的材料仅占 57.1%; 强筋组小麦品质得分变异范围同样较大(6~10), 平均分

为 8.63 分, 品质评分大于 8 分的材料仅占 61.4%。以上研究结果说明山东省高产和强筋小麦品质均有较大提升空间。

高产和优质是小麦育种永恒的目标。随着社会发展和人民生活水平的提高, 对优质麦的需求不断增加。山东省区域试验小麦新品系在一定程度上代表了全省小麦育种趋势, 根据表 2 可知, 目前山东省区域试验高产组和强筋组小麦 *Glu-1* 位点评分均较低。譬如高产组小麦 *Glu-A1* 位点评分仅为 1.88 分, *Glu-A1a* 占比仅为 44.6% 和 43.4%, *Glu-D1* 位点评分仅为 2.08 分, *Glu-D1d* 占比仅为 33.7% 和 30.3%; 强筋组 *Glu-D1* 位点优质亚基 *Glu-D1d* 占比为 62.5% 和 73.7%。此外, 山东省区域试验高产组和强筋组小麦 *Glu-B1* 位点优质亚基 13+16、14+15、17+18 占比均较低。因此, 在今后一段时间内, 山东省小麦品质育种应重点以提高 *Glu-1* 位点优质亚基所占比例为主, 同时兼顾提高各位点等位基因类型和所占比例。

参考文献

- [1] Branlard G, Dardevet M, Saccomano R, Lagoutte F, Gourdon J. Genetic diversity of wheat storage proteins and bread wheat quality. *Euphytica*, 2001, 119 (1): 59–67
- [2] Ragupathy R, Naeem H A, Reimer E, Lukow O M, Sapirstein H D, Cloutier S. Evolutionary origin of the segmental duplication encompassing the wheat *GLU-B1* locus encoding the overexpressed Bx7 (Bx7^{OE}) high molecular weight glutenin subunit. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, 116 (2): 283–296
- [3] 张学勇, 董玉琛, 游光侠, 王兰芬, 李培, 贾继增. 中国小麦大面积推广品种及骨干亲本的高分子量谷蛋白亚基组成分析. *中国农业科学*, 2001, 34 (4): 355–362
- [4] Payne P I, Holt L M, Jackson E A, Law C N, Damania A B. Wheat storage proteins: their genetics and their potential for manipulation by plant breeding. *Philosophical Transactions of the Royal Society B Biological Sciences*, 1984, 304 (1120): 359–371
- [5] Zhang Q, Dong Y, An X, Wang A, Zhang Y, Li X, Gao L, Xia X, He Z, Yan Y. Characterization of HMW glutenin subunits in common wheat and related species by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF-MS). *Journal of Cereal Science*, 2008, 47 (2): 252–261
- [6] Payne P I, Nightingale M A, Krattiger A F, Holt L M. The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 1987, 40 (1): 51–65
- [7] 王伟, 闫美, 薛立霞, 杨在东, 程敦公, 刘爱峰, 宋健民, 刘建军, 李豪

广适性豇豆新品种中豇 10 号的选育

张 鹏 王素华 潘晓威 公 丹 陈红霖 程须珍 王丽侠

(中国农业科学院作物科学研究所,北京 100081)

摘要:中豇 10 号是中国农业科学院作物科学研究所印度豇豆 PGCP14 为母本、PGCP11 为父本,通过杂交定向选择培育而成。2020 年在大同、昌吉等地开展了品比鉴定,2021 年在青岛、南宁、南阳等地进一步展示示范,效果良好。该品种生育期短,矮生直立性强,高产稳产,适宜我国不同生态区春夏播生产。对其选育过程、特征特性、产量表现及栽培技术进行总结,以期对豇豆生产和加工等提供信息。

关键词:豇豆;中豇 10 号;选育;适应性鉴定

豇豆起源于非洲,是典型的耐旱、耐热、耐瘠薄作物,也是非洲等贫困国家或地区重要的植物蛋白质来源^[1]。豇豆又分为普通豇豆、短荚豇豆和长豇豆等,其中普通豇豆的种植面积和总产量最大^[2]。我国普通豇豆通常称干籽粒豇豆,主要种植在南方各省及西北、东北干旱半干旱区及生态条件较差的丘陵山区^[3]。随着气候变迁,自然灾害频繁发生,干籽粒豇豆在抗灾救灾、培肥土壤等方面可发挥重要作用^[4-5],尤其可作为我国边远山区及生态条件贫瘠地区的发展产业^[6]。然而,截至目前,我国只有少数几个科研单位开展了干籽粒豇豆的品种改良^[7-8]。

作为短日作物,干籽粒豇豆光温反应敏感,在国家食用豆产业技术体系组织的全国性豇豆新品种联合鉴定中,对照品种中豇 1 号经常因气候条件的异常而表现出蔓生、熟期不一致的现象,严重影响了生产稳定性,降低了机械化收获可行性。目前生产上利用的豇豆品种大多是农家种的提纯复壮,

产量低、适应性差,难以规模化发展^[8]。中国农业科学院作物科学研究所通过国外资源的引进和消化吸收,重点开展了粒用豇豆早熟直立、抗旱高产、适应性广的品种选育,以满足不同生态区对干籽粒豇豆的生产需求,并于 2020-2021 年在不同生态区进行品种比较和展示示范,对优良新品系进行了综合评估^[9]。

1 亲本来源及选育过程

1.1 育种目标 以培育直立早熟,抗旱高产,适应性广(在各个生态区均表现直立早熟),籽粒商品性好的干籽粒豇豆新品种为育种目标。

1.2 亲本来源 父母本均是中国农业科学院作物科学研究所于 2010 年从印度引进的豇豆品系。其中,母本 PGCP14 中熟,半无限生长,白花,结荚集中,成熟荚紫色,籽粒长椭圆形,种皮白色黑脐。父本 PGCP11 早中熟,干旱条件下直立性较强,雨水多容易抽蔓,紫花,结荚较集中,结荚位较低,成熟荚紫色,籽粒椭圆形,种皮黑色。

1.3 选育过程 2013 年夏季以 PGCP14 为母本、PGCP11 为父本配制杂交组合,采用穿梭育种法选育。2014 年 6 月(北京)种植 F₁。2016-2017 年春

基金项目:国家重点研发计划(2019YFD1001303,2019YFD1001300);财政部和农业农村部:国家现代农业产业技术体系(CARS-08);中国农业科学院基本科研业务费专项;作物种质资源安全保存(125A0605)

通信作者:王丽侠

圣,郭军. 早世代优质小麦的快速筛选鉴定. 分子植物育种. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20210312.1107.006.html>

[8] 黄兴峰,马传喜,司红起,王少奎. 小麦品种高分子量谷蛋白亚基的组成分析. 安徽农业大学学报,2003,30(4): 377-381

[9] 王银萍,李勇超,魏燕燕,刘林丽,赵惠贤,郭嵩光. 黄淮麦区小麦品种高分子量谷蛋白亚基组成及遗传多样性分析. 麦类作物学报,2006,26(5): 69-73

[10] 聂莉,芦静,吴新元,张新忠,黄天荣,周安定,曹俊梅,高永红,李冬. 新疆小麦高分子量谷蛋白亚基对其加工品质的影响. 新疆农业科学,2010,47(3): 443-448

[11] 李立,龚梦婕,李锁平,张大乐. 黄淮麦区小麦新品系高分子量谷蛋白亚基的组成及结构变化分析. 华北农学报,2018,33(2): 157-162

(收稿日期: 2022-02-11)